

GenCore version 4.5  
Copyright (c) 1993 - 2000 Compugen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: June 7, 2001, 00:18:23 ; Search time 54.1 Seconds

Sequence: (without alignments) 212.181 Million cell updates/sec

Title: US-09-494-297-2

Perfect score: 3945

Sequence: 1 MKKTRFPNKLNTLNTORVL... ... IAGISLGIGIWTIRKHD 757

Scoring table: BLOSUM62

Gapop 10.0 , Gapext: 0.5

Searched: 297327 seqs, 1516373 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 297327

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : Pending\_Patents\_AA\_New,\*

1: /cgnl-7/prodata/2/paa/US06\_NEW\_COMBO\_PEP:\*

2: /cgnl-7/prodata/2/paa/US07\_NEW\_COMBO\_PEP:\*

3: /cgnl-7/prodata/2/paa/US08\_NEW\_COMBO\_PEP:\*

4: /cgnl-7/prodata/2/paa/US09\_NEW\_COMBO\_PEP:\*

5: /cgnl-7/prodata/2/paa/US09\_NEW\_COMBO\_PEP:\*

6: /cgnl-7/prodata/2/paa/US09\_NEW\_COMBO\_PEP:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

### SUMMARIES

Result No	Score	Query Match Length	DB ID	Description
1	3945	100.0	757	5 US-09-494-297-2
2	1958.5	49.6	742	5 US-09-494-297-4
3	138.5	3.5	625	5 US-09-692-004-2
4	127	3.2	795	5 US-09-430-500B-142
5	121.5	3.1	1027	4 US-08-956-171C-254
6	121.5	3.1	2329	5 US-09-421-124-16
7	121.5	3.1	2329	5 US-09-421-124-16
8	3.0	1312	1	PCT-US01-08117-95
9	3.0	3418	5	US-09-421-124-44
10	3.0	3418	5	US-09-421-124-44
11	119.5	3.0	708	5 US-08-956-171C-535
12	118	3.0	708	5 US-09-792-024-123
13	117	3.0	95	5 US-09-430-590E-14
14	117	3.0	5373	1 PCT-US01-07782A-96
15	3.0	5447	1	PCT-US01-03782A-284
16	115	2.9	1992	4 US-08-945-67C-3
17	113.5	2.9	1833	4 US-08-945-57C-4
18	112.5	2.9	903	5 US-09-193-502D-46
19	111.5	2.8	1990	1 PCT-US01-04098A-3733
20	110	2.8	1068	1 PCT-US01-04098A-3733
21	109.5	2.8	1021	1 PCT-US01-04098A-1765
22	109	2.8	520	5 US-09-192-024-121
23	109	2.8	846	5 US-09-591-178-33
24	108.5	2.8	774	5 US-09-739-449-13266
25	108	2.7	1561	5 US-09-456-444-23
26	107	2.7	1308	1 PCT-US01-04098A-383
27	107	2.7	1494	5 US-09-421-124-186

RESULT 1  
US-09-494-297-2  
Sequence 2, Application US/09494297  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: PODBIELSKI, ANDREAS  
TITLE OF INVENTION: COLLAGEN-BINDING PROTEINS FROM STREPTOCOCCUS PYOGENES  
FILE REFERENCE: P062810/BRS  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/494, 297  
CURRENT FILING DATE: 2000-01-31  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 4  
SOFTWARE: Patentin Ver. 2.0  
SEQ ID NO 2  
LENGTH: 757  
TYPE: PRT  
ORGANISM: Streptococcus pyogenes

Query Match 100.0%; Score 3945; DB 5; Length 757;  
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.7e-290;  
Matches 757; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

*Oppenweiner*

Sequence 186, APP  
Sequence 312, APP  
Sequence 987, APP  
Sequence 1311, APP  
Sequence 3279, APP  
Sequence 5, APP  
Sequence 194, APP  
Sequence 194, 495,  
Sequence 184, APP  
Sequence 184, APP  
Sequence 86, APP  
Sequence 29, APP  
Sequence 389, APP  
Sequence 1607, APP  
Sequence 3575, APP  
Sequence 2, APP  
Sequence 2, APP  
Sequence 42, APP  
Sequence 1083, APP  
Sequence 1083, APP

QY 421 SQVVVCFNADIKSPPOSEDGKTMPPDTGEGVKTTHIAGRDLFKYTVKPRDTDDFLK 480  
 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 Db 421 SQVVVCFNADIKSPPOSEDGKTMPPDTGEGVKTTHIAGRDLFKYTVKPRDTDDFLK 480  
 QY 481 HIKKVEKGYREKGQAIEYSLTEQTLERAAQTLAUYFTPSAELDKDKLUDYHGFDMND 540  
 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 Db 481 HIKKVEKGYREKGQAIEYSLTEQTLERAAQTLAUYFTPSAELDKDKLUDYHGFDMND 540  
 QY 541 STLAVAKILVLEYAQDSSNPOLTDPEFIPNNKYSLLGQHPELDVDIRMEDKEV 600  
 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 Db 541 STLAVAKILVLEYAQDSSNPOLTDPEFIPNNKYSLLGQHPELDVDIRMEDKEV 600  
 QY 601 PVTNHITLRKVTVGLADRKDFHEIELKNNQELSQVKTDTNLKDKATINL 660  
 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 Db 601 PVTNHITLRKVTVGLADRKDFHEIELKNNQELSQVKTDTNLKDKATINL 660  
 QY 661 HGESLITLQGLPEGSYSLVKENDSEGYKVVKVNSQEANATVSKTGITSDETLAFENKEPV 720  
 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 Db 661 HGESLITLQGLPEGSYSLVKENDSEGYKVVKVNSQEANATVSKTGITSDETLAFENKEPV 720  
 QY 721 VPTGVQVKINGYLALVIAGISLGIGIHTIRKHD 757  
 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 Db 721 VPTGVQVKINGYLALVIAGISLGIGIHTIRKHD 757

RESULT 2

US-09-494-297-4

; Sequence 4, Application US/09494297

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: PODBIELSKI, ANDREAS

; TITLE OF INVENTION: COLLAGEN-BINDING PROTEINS FROM STREPTOCOCCUS PYOGENES

; FILE REFERENCE: P06628BS0/BAS

; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/494, 297

; CURRENT FILING DATE: 2000-01-31

; NUMBER OF SEQ ID NOS: 4

; SOFTWARE: Patentin Ver. 2.0

; SEQ ID NO 4

; LENGTH: 742

; TYPE: PRT

; ORGANISM: Streptococcus pyogenes

; US-09-494-297-4

Query Match 49.6%; Score 1958.5; DB 5; Length 742;

Best Local Similarity 54.3%; Pred. No. 7.4e-140; Mismatches 196; Indels 25; Gaps 13;

Matches 400; Conservative 116; Mismatches 196; Indels 25; Gaps 13;

QY 20 SKNSKR--FTVTLVGVFLMIFALVMSMVGAFTVFGIVLVESSTPNATNDPSSSEYRMYGYES 77  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 11 SANNKRQRTTIGLLKVFLLTVALIGIVGFSITRAGFAEEOVPN--RQSSIQDYPWGYDS 68  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 78 YVRGHYYKQPERVAHDLRVNLEGSSYQYQVCFNLKAKPIGSDFSSWKWKKHDCISTKF 137  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 69 YPKGYDPSYPLKTYHNLKVNLEGSKYQACFNLLRHFPRKSDSYTSRQWTKKLEETNENT 128  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 138 EDYAMSPRITGDELNOKLRAWMNGHQNANGIMEGLEPLNARYTQEAWYWSDNAPIS 197  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 129 IKLADPRPRIEGOLQONLRLTYLNGYPPNNGIMKDPLNIALVYQNAIW-YTPSAQI- 186  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 198 NPDESKRRESENLYSTSQLSLMRQALQKQDLPNATKMPKQVDPDFQLSLIFESRDKGDK 257  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 187 NPDESKRTEARSNGINDQOGLMRKALKEIDPNLGSKYSNKTPSGYRLANWFESH--- 242  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 258 YNKGYQNLISGGLVPKPPTGPDPNPPNPQPTTSLVIRKAYGYSKLEGATQLTGD 317  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 243 -KPKQVNLIAEYDUPPKGE--PAPAKTEKSTIRYAEGL-SKLEGATQLTGD 297  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 318 NVNSQARVSSNDIGERIELSDGTYLTLENSPAGYTAEPITPKVEAGVYI-IDGK 376  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 298 EGSGEQKEDQFQNSLGETVELPNTGTYLTENSSPGYKIAEPKFRVNNKVFTQDG 357  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 377 QIENPKETIVEPYSVAYNDFEEFSVL-TQNYAKYYAKNGSSQVVCFNADIKSP 435  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||

RESULT 3

US-09-692-064-2

; Sequence 2, Application US/09692064

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: Minion, F. Chris

; APPLICANT: Menon, Sreekumar A.

; APPLICANT: Mahairas, Gregory G.

; TITLE OF INVENTION: VACCINE ADJUVANT

; FILE REFERENCE: 08411-016001

; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/692, 064

; CURRENT FILING DATE: 2000-10-19

; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/160,429

; PRIOR FILING DATE: 1998-10-19

; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9

; SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 4.0

; SEQ ID NO 2

; LENGTH: 625

; TYPE: PRT

; ORGANISM: Mycoplasma hyopneumoniae

; US-09-692-064-2

Query Match 3.5%; Score 138.5; DB 5; Length 625;

Best Local Similarity 20.0%; Pred. No. 0.038; Mismatches 270; Indels 233; Gaps 37;

Matches 155; Conservative 117; Mismatches 270; Indels 233; Gaps 37;

QY 19 LSKNSKRFTVTLVGVFLMIFALVMSMVGAFTVFGIVLVESSTPNATNDPSSSEYRMYGYES 78  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 1 MKKKAKKF-LRLTSLTAPPSVFTLISAGC--LQKNSLSEVNLALGDSLTRGFNE 56  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 79 VFGHPYQKPERVAHDLRVNLEGSSYQVY-CFNLLKAKPIGSDFSSWKWKKHDCIS-- 134  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 57 T---YRDQGTLDGDNIS-QSPAYAYVYLUK--LNRKSAISG 102  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 135 --TKEFDYAMS--PRIT--GDELNOKLRAWMNGHQNANGIMEGLEPL 177  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 103 TTENWLYLNPTKPKNGKASNPPLVNTSGNEKNEIGSGFENPKDSYPLVEVKKA 162  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 178 NAIRYHOEAWYVYSDNAPISNPDESKRRESENLYSTSQLSLMRQALQKQDLPNATKMP 237  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 163 NLTMWSGA---NDPFLAIFNEFKWA---SIKPKSEAKKLLDPN--ERA 206  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 QY 238 KQYDPDFQLSFESEDKGDKYQGQNL---SSGGVPTKPKPPGDPMPNQ 287  
 ||||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 207 NFTAEKGMLAKAEVNKKIEEINTNLKELKALNPKUSINLIGYKLNG--- 258

```

Db 288 PQTTSVLLRKVYAGDYSKLEGATIQLTGDNVNSFORVSSNDIGERIEUDGTYLT 347
Db 259 ----FIKIKLYLLVYAKI-----ETDEFINELPE----- 283
Db 348 LNSPAGYSIAEPITFVKEAGVYTIDGKQIENPNKEIVEPYSVEAYNREFEFSVLTQN 407
Db 284 -----KINKIRESAIKN-KNYIDYDKSFWNSD----- 313
Db 408 YAKFVYAKN-----KNGSSOYVYCFENADLKSPPDSD-GGKUMTDPFTGEVKY 456
Db 314 - -KNLMAKNFDHFPSI0GYKKTAHOLLLKQDUEEKDSNAELKNTNFDDFDENKPTYS 371
Db 457 HIAGROLFKYVVKPROTDPPFLKHKKVVIERGYREKGQAEYESGLTETQIRATOLAIY 516
Db 372 KV-----IDLSVFAKSNEKE-LNENKQSEFIACKST----- 405
Db 517 YFTDSAEELDKKLQDVGFGMDNSTLAVAKILVEAQSNSUPPLTDLF-FIPNNKY 574
Db 406 FDTDQBAIKD--DERTFGNI-----VRBIV-----SLPFDNFDRFLIPKKNP 449
Db 575 OSLIGTOWWHED---LVDITRMEDKK-----EVIPVHNLTRKTWLAGDRTKD 622
Db 450 VKAIINSYLGKPGASLKLDEOLENKVWDYARPNIKFIDTIDSFRKMAFFA-----E 504
Qy 623 FHEFEILKNNQ-----ELLSQVWKT-----DKTNLERKD--KATINLKHSLETIQGLP 671
Db 505 LNTDQIIEKFMSQPLFLTRNALSPEFLTKL-KDSAFKILMLNPKQIOLPTLGLS 562
Qy 672 EGYSVLYKE--TDSEGYKVKNQSDEVANATVSKIGTSDETLAFENNKPVPT 723
Db 563 KTPSPKPKERPKDQSSKPKQDTSQKQESSTSS-----TGSTKATTENQPKAEQ 612
Prior Application Number: 60/106,342
Prior Filing Date: 1998-10-30
Number of SEQ ID NOS: 156
Software: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO: 142
Length: 795
Type: PRT
Organism: Unknown
Feature:
Other Information: sequence of retrotransposon from unknown organism
US-09-430-590E-142

RESULT 4
US-09-430-590E-142
; Sequence 142, Application US/09430590E
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Poulet, et al.
; TITLE OF INVENTION: UNUSUAL RETROTRANSPOSON FROM THE YEAST CANDIDA ALBIC
; FILE REFERENCE: 654521-2001.
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/430,590E
; CURRENT FILING DATE: 1999-10-29
; PRIORITY NUMBER: 60/106,342
; PRIORITY FILING DATE: 1998-10-30
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 156
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO: 142
; LENGTH: 795
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Unknown
; OTHER INFORMATION: sequence of retrotransposon from unknown organism
US-09-430-590E-142

Query Match 3.2%; Score 127; DB 5; Length 795;
Best Local Similarity 19.2%; Pred. No 0, 43; Gaps 0
Matches 127; Conservative 103; Mismatches 238; Indels 194; Gaps 0
Qy 75 YESYVRGHPYKQFVRVAHDLRVNLEGSRSTQYVCFENLKK---AFPLGSDSSVKKYKKH 130
Db 223 YAVHNRHTPIKF-----DGATPYERY-YGLSKVYVPPFQFGTDVLI-KCASYW 270
Qy 131 DGISTKE--EDYAMSPRITG-----DELNQKLRAVMVNCHPQANGIMEGLEPNIA 180
Db 271 EAISLKLPSRDKAFFFVGMGAFLGLYGSDDSTFPRV-LVSTKQGPVTT--SNIRIATM 326
Qy 181 RYTOQEWVYWDNAPISNPDIKPSKRESENLVSTSOISLMSRQALKLQDPLNATKMKQV 240
Db 327 QVLDNLAYLISENSISY-DDTF-----LSPLNHPMRTN----- 360
Qy 241 PDDFQLSIFEDSKGKQYKQYQNLISGGLYPTKPPPGD--PPMPNPQDTSVLRKVA 299

```

TELEPHONE: (301) 610-5790  
 TELEFAX: (301) 309-439  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5254:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 1027 amino acids  
 TYPE: amino acid  
 STRANDEDNESS: single  
 TOPOGY: linear  
 MOLECULE TYPE: protein  
 SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 5254:  
 ; US-08-956-171C-5254

Query Match 3.1%; Score 121.5; DB 4; Length 1027;  
 Best Local Similarity 20.2%; Pred. No. 1.7; Mismatches 230; Indels 225; Gaps 27;  
 Matches 133; Conservative 72; Mismatches 230; Indels 225; Gaps 27;  
 QY 153 OKLRAVAMYNSHQPNANGIME---GLEPLNIAIRVTOBAAWYYSNDAPISINDESKRESES 209  
 ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

NUMBER OF SEQUENCES: 222  
 CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ADDRESSEE: Bell Seltzer Park & Gibson  
 STREET: 310 UCB Plaza, 3605 Glenwood Avenue, PO Drawer 31107  
 CITY: Raleigh  
 STATE: NC  
 COUNTRY: USA  
 COMPUTER READABLE FORM:  
 COMPUTER TYPE: Floppy disk  
 COMPUTER: IBM PC compatible  
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
 SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)  
 CURRENT APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/09/421,124  
 COMPUTER TYPE: Floppy disk  
 FILING DATE:  
 PRIORITY APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/755,587  
 FILING DATE: 25-NOV-1996  
 PRIORITY APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: GB 9523959.6  
 FILING DATE: 28-AUG-1995  
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 NAME: Kenneth D. Sibley  
 REGISTRATION NUMBER: 31,665  
 PRIORITY APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: GB 9617961.9  
 FILING DATE: 28-AUG-1996  
 LENGTH: 2329 amino acids  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 2329 amino acids  
 MOLECULE TYPE: protein  
 US-09-421-124-16

Query Match 3.1%; Score 121.5; DB 5; Length 2329;  
 Best Local Similarity 17.9%; Pred. No. 6.7; Mismatches 104; Indels 305; Gaps 35;  
 Matches 138; Conservative 104; Mismatches 224; Indels 305; Gaps 35;  
 QY 133 ISTKEEDYAMSPRIGD-----ELNOKL----- 155  
 Db 504 ISRGKSYKMSDKLKGNNYEDVELTKNIPMEKNODVALNENYKNVELLPPKYMVAS 563  
 QY 156 -RAVYNGHQNANGIMEGLEPLNIAIRVTOBAAWYYSNDAPIS---NED-ESPKRESE 208  
 Db 564 PSRKVQFN---QNTN-----LAVIQKNOE-----ETISISKITVNPDEELFSDE 606  
 Qy 209 SNLV----- 223  
 Db 607 NNFVQVANEERNLAIGNTELHEFDLTCVNEPIKNSVAVLYGDTGDKQATQSIKKDL 666  
 Qy 224 LQLQDTPN-----LATKMPQVDPDFQLSIFESEDGDKYNGQYQNLISGLVPTKPP 276  
 Db 667 VYVLAENKNSVQHMKMTQDQLSDISLNT-----DKTPEKNNDYMNWKAGLIGP---- 718  
 Qy 277 TFGDPMPMNPQDQTSVLRKIAIGDKSLEGLATQDQVNSFQARVFSSNDIGERI 336  
 Db 719 -----TSNHSTFGSFRASKNEKSEHNPK--KSRMF-FKDIEGY 757  
 Qy 337 BLSDGTYTTELNSPAGYSTAEPITPKVEAGKVTIDGKQIENPKETVEPSVEAYND 396  
 Db 758 -----PTSLACVE-----IVNIALDN-QKLSKPSQINTVS 789  
 Qy 397 FEEFSVLTQVAKYFVAKYNGQSSQWRC---FNAIDLSSPPS-----EDGK 442  
 Db 790 HLOQSVVSD-----CKNSHTPQMLFSRQDFNSHNLTSPQREQTTELSTILEDGS 842  
 Qy 443 TWPDPDTGETVYKTHAGDLFVYKVPDTPDPLKHKVIEK-----G 489

RESULT 6  
 US-09-421-124-16  
 Sequence 16, Application US/09421124  
 General Information:  
 Applicant: Furreal, Phillip A  
 Applicant: Wooster, Richard F  
 Applicant: Ashworth, Alan  
 Applicant: Stratton, Michael R  
 Title of Invention: Materials and methods relating to the identification and sequencing of the BRCA2 cancer  
 Title of Invention: susceptibility gene and uses thereof.

Db 843 QF--EFTQFR-KPSVTLQKSTFEV-----PENOMTILKTSECRDADLHVMNAPS 891

Qy 490 YREKGDAIEVSGLTLTQLRATQ-----AIVYFTDSAELDKDKLKVHGFMDNST 542

Db 892 IGVQVSKQFEGTVKRFAGLKLNDCKNCNSASGLTDENEVGRGFFYSAHG-TKLNVST 950

Qy 543 LAVAKILVEAQDSNPQLTDLDFPFPNNKYQSLIGTOMHPEPDIVDILMEDKKEVIPV 602

Db 951 BALQKAVKLSDIENISETSAAV-----HPISSLSSKCH-DSVVSMFKIEN----- 996

Qy 603 THNLRLKTVTGLAGDRTKDFHFEELKNNKQELISQT-----VKTDTNLE 649

Db 997 -HN-----DXT-----VSEKNNKQCLLQNLINNEMTGFVEETENYKRNT 1037

Qy 650 FKDGKATINLKHGESLTLOGLPEGYSYLV-----KE-----TDSEGKVVKNSQ----- 693

Db 1038 NEDNQTYAASRNHNLFQDGSDSKNDTVCIHDKDTDLFQHNCILKLSQFMKEGNT 1097

Qy 694 -----EVANATVSKTGTTSDETLAFENNEKPNPQVPTGVQOKINGY 732

Db 1098 QIKEDSLDTLLEVAKQEAHCNHTS-----NKEQLTATKTEONIKDF 1140

RESULT 7

US-09-421-124-16

SEQUENCE 16: Application US/09421124

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Furreal, Phillip A

APPLICANT: Wooster, Richard F

APPLICANT: Ashworth, Alan

APPLICANT: Stratton, Michael R

TITLE OF INVENTION: Materials and methods relating to the identification and sequencing of the BRCA2 cancer susceptibility gene and uses thereof.

TITLE OF INVENTION: Susceptibility gene and uses thereof.

NUMBER OF SEQUENCES: 222

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: Bell Seltzer Park & Gibson

STREET: 310 UCB Plaza, 3605 Glenwood Avenue, PO Drawer 31107

CITY: Raleigh

STATE: NC

Country: USA

ZIP: NC 27652

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/09/421,124

FILING DATE:

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/775,587

FILING DATE: 25-NOV-1996

APPLICATION NUMBER: GB 9523959.6

FILING DATE: 23-NOV-1995

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: GB 9525555.0

FILING DATE: 14-DEC-1995

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: GB 9617961.9

FILING DATE: 28-AUG-1996

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Kenneth D Sibley

REGISTRATION NUMBER: 31,665

REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5405-135

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 16:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 2329 amino acids

TYPE: amino acid

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: protein

US-09-421-124-16

RESULT 8

PCT-US01-03117-95

Sequence 95, Application PC/TUS0108117

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: INCYTE GENOMICS, INC.

APPLICANT: HILLMAN, Jennifer L.

APPLICANT: BAUGHN, Mariah R.

APPLICANT: YUE, Henry

APPLICANT: LAL, Preeti

APPLICANT: LU, Duyng Aina M.

APPLICANT: PATTERSON, Chandra

APPLICANT: AZIMZAI, Yalda

APPLICANT: BANDMAN, Olga

APPLICANT: TANG, Y. Tom

APPLICANT: MATHUR, Preete

Query Match 3.18; Score 121.5; DB 5; Length 2329;

Best Local Similarity 17.9%; Pred. No. 6.7; Mismatches 224; Indels 305; Gaps 35; Matches 138; Conservative 104; Mismatches 224; Indels 305; Gaps 35;

Db 504 ISRGKSYKASDKLKGNNYESVELTKNPKMEKNDQCALNEVNYKVELLPPPEKMRVSA 563

Qy 156 -RAVMYNGPONANGIMEGLEPLNATRVQEAHVWYSDNAPIS---NPD-ESPKRESE 208

Db 564 PSRKVQFN-----QNTN-----LRIVIKNE-----ETISKIVNPDSEELFSNE 606

Qy 209 SNLV----- 223

Db 607 NNFEQVANERNNLALGNTKBLHETDLTCVNEPIFRNSTAVLYGQDGDKOATQVSIKKL 666

Qy 224 LKQLIPEN-----LATKAKQVPDFOSLIFEDKGKYNKQNLISGLVPTKPP 276

Db 667 VYLALENKNSVQHKTQMTGQDLKSDISNL---DKTKEKNNDYMNKQAGLGP--- 718

Qy 277 TFGDPMPNPQFQTSVLRKYYAGDYSKILEGATIQLTGDNVNSFOARVFSSNDIGERI 336

Db 719 -----ISWFGGSFRNASKERKLSERIK--KSKMF-FKDIEQY 757

Qy 337 ELSDGTYTLEINSPAGYSTAEPITFKVKEAGKVVITDGKQIENPKETVEPPSYEAYND 396

Db 758 -----PVSACVE-----IVNTLALDN-QKLLSKPQSINTVSA 789

Qy 397 FEEPSLTQWAKYAKNQSSQVYC--FNAQLKSPDS-----EDGK 442

Db 790 HLLQSVVSD-----CKNSHITPOMLFSKDFENSNHNHJPSQKQITEILTILEDGS 842

Qy 443 TNPDEFTGEVKYHTAGRDLFKYTQVKPRTDPDTFLKHTKKVIEK-----G 489

Db 843 QF--EFTQFR-KPSVTLQKSTFEV-----PENOMTILKTSECRDADLHVMNAPS 891

Qy 490 YREKGDAIEVSGLTLTQLRATQ-----AIVYFTDSAELDKDKLKVHGFMDNST 542

Db 892 IGVQVSKQFEGTVKRFAGLKLNDCKNCNSASGLTDENEVGRGFFYSAHG-TKLNVST 950

Qy 543 LAVAKILVEAQDSNPQLTDLDFPFPNNKYQSLIGTOMHPEPDIVDILMEDKKEVIPV 602

Db 951 BALQKAVKLSDIENISETSAAV-----HPISSLSSKCH-DSVVSMFKIEN----- 996

Qy 603 THNLRLKTVTGLAGDRTKDFHFEELKNNKQELISQT-----VKTDTNLE 649

Db 997 -HN-----DXT-----VSEKNNKQCLLQNLINNEMTGFVEETENYKRNT 1037

Qy 650 FKDGKATINLKHGESLTLOGLPEGYSYLV-----KE-----TDSEGKVVKNSQ----- 693

Db 1038 NEDNQTYAASRNHNLFQDGSDSKNDTVCIHDKDTDLFQHNCILKLSQFMKEGNT 1097

Qy 694 -----EVANATVSKTGTTSDETLAFENNEKPNPQVPTGVQOKINGY 732

Db 1098 QIKEDSLDTLLEVAKQEAHCNHTS-----NKEQLTATKTEONIKDF 1140





**TITLE OF INVENTION:** Michael R. Fannon *Staphylococcus aureus* Polynucleotides and Sequences  
**NUMBER OF SEQUENCES:** 5255  
**CORRESPONDENCE ADDRESS:**

ADDRESS: 9410 Key West Avenue  
CITY: Rockville  
STATE: Maryland  
COUNTRY: USA  
ZIP: 20850

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Diskette, 3 1/2 inch, 1.4MB storage  
COMPUTER: HP Vectra 486/33  
OPERATING SYSTEM: MS-DOS version 6.2

SOFTWARE: ASCII Text

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/956,171C  
FILING DATE: 20-Oct-1997  
CLASSIFICATION: <Unknown>

PRIOR APPLICATION DATA:

1. 666,651

FILING DATE: January 5, 1996  
APPLICATION NUMBER: 087781,986  
FILING DATE: January 3, 1997  
**ATTORNEY/AGENT INFORMATION:**  
NAME: Hoover, Kenley K.

REFERENCE/DOCKET NUMBER: PB248  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (301) 610-5790

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5235:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 886 amino acids  
TYPE: amino acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: protein  
SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 5235  
US-08-956-171C-5235

Query Match 3.0%; Score 119.5; DB 4; Length 886;  
 Best Local Similarity 19.3%; Pred. No. 1.9;  
 Matches 139; Conservative 100; Mismatches 259; Indels 221; Gaps 36

Query Match Score 118; DB 5; Length 708;  
 Rest Local Similarity 3.0%; Pred. No. 1; 7;

FILING DATE: January 5, 1996  
 APPLICATION NUMBER: 08/781,986  
 FILING DATE: January 3, 1997  
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 NAME: Hoover, Kenley K.  
 REGISTRATION NUMBER: 40,302  
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: PB248P1  
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 TELEPHONE: (301) 610-5790  
 TELEFAX: (301) 309-8439  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5235:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 886 amino acids  
 TYPE: amino acid  
 STRANDEDNESS: single  
 TOPOLOGY: linear  
 MOLECULE TYPE: protein  
 SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 5235:  
 US-08-956-171C-5235

Query Match 3.0%; Score 119.5; DB 4; Length 886;  
 Best Local Similarity 19.3%; Pred. N. 1.9; Mismatches 259; Indels 221; Gaps  
 Matches 139; Conservative 100; Mismatches 259; Indels 221; Gaps

Qy	92	HDL---RNV---LRCRSRSTQVYCFCNLKKAPLGLGSDSSVKKWKKHD--GIST---K	136
Db	118	HDIGRREQVNLQQLDKRNETTQYHF---FSIKDPAADVYTKKRAEVELDINTASTWK	172
Qy	137	FEDYAMSPrTGDDELNQKL--RAVMyNGHPON---ANGIMEGLEPLNATRAVTQ-----	185
Db	173	FEVY-----ENNOKLPYRLVSVSPVBDHAYIRFPVSDGTOELKTVSTQDIDGE	223
Qy	186	AVWYKSD--NAPISWDESTKRESESNLVTSQSLMRQALKQLIDPNLAKTMKMRQVDP	242
Db	224	TNYDVKLFAKPKIYDPLVSKSTDNDAVVYNDQSS-----	259
Qy	243	DFQLSFESBEDKGDKYNGKTONLLSGGLVP---TKPPTPGDPPMPNPQDPTSVLIRKA	299
Db	260	---SVAASQNTNTNSQNQNTSTINNANNNQPOATTNMSQPAQPKSSTNADQASSQPAHE-	313
Qy	300	IGDYSKLEGATLQLTGDNNSFQARVFSNDIGERIELSPGTYTITELNSPAGYSAEP	359
Db	314	-----TNSNGNTNDKNTNESNQ-----SD---VNQQVPPADESLODA	347
Qy	360	ITFKVEAGKWTIIDQKQIENPKLVEPVSKVEAYNDFEITSVLTQNTYAKFYAKNKG	419
Db	348	I-----KNPAIDKEHTADNWRPI-----	387
Qy	420	SSQVWVCFNADLKSPPDSEDEGGKTMPP---DFTTGKVYKTHIAGDRFLKTYVKPRDTP	475
Db	388	-----PATVIR-----TKTGPITLEGLKTTASWKKKEVYEGDKKKLP---VELVST-----DSDK	433

US-09-7922-024-123  
; Sequence 123, Application US/09792024  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Roemer, Terry  
; APPLICANT: Jiang, Bo  
; APPLICANT: Boone, Charles  
; APPLICANT: Bussey, Howard  
; TITLE OF INVENTION: Gene Disruption Method  
; TITLE OF INVENTION: Targets Discovery  
; FILE REFERENCE: 10182-004-099  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09-7922-024  
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-20  
; NUMBER OF SEQ ID: 490  
; SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 4.0  
; SEQ ID NO 123  
; LENGTH: 708  
; TYPE: PRT  
; ORGANISM: Candida albicans  
; US-09-7922-024-123

Query Match 3.0%; Score 118; Best Local Similarity 18.6%; pred. No. 3; Matches 128; Conservative 108; Mismatch 136 KFEDYAMSPRITGDELNOKRARMVYNGHPQNANG  
Db 68 KIEDRGLF--IDGDKLQVKLQKOM---NSKSSND  
Qy 193 NAPISNDFESKRESENLNVTSQSLMRALKQOQ  
Db 122 DQKISFEDKMEHEERD-----VPINWHDYFVK  
Qy 249 FESEDKGDKYKNGQYQNLISGGLVPTRKPTPGDPPI  
Db 173 KNNDDKOKKAERGK-----  
Qy 309 GATLQLTGDD--NVNSFQARYFSSNDIGERIE-1  
Db 190 STVAELVKNLNPASIESFNRYYLSDRLRSRNENF  
Qy 356 IAPITPKVEAGKVYITIIGQKQIENKNEITVEPYI  
Db 250 ISLKNMIGRDQKOF-LIFGLISKNANDE--Y  
Qy 413 -----YAKNKNGSSQ---VVCFNADLKS  
Db 305 GMFLLVEGITYSASGGNSNQDHGIGCFYVSNIG  
Qy 449 -TTGE-----WVYTH--IA

RESULT 13  
US-09-430-590E-14  
; Sequence 14, Application US/09430590E  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Poultier, et al.  
; TITLE OF INVENTION: UNUSUAL RETROTRANSPOSON FROM THE YEAST CANDIDA ALBICANS  
; FILE REFERENCE: 674521-2001.1  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/430,590E  
; CURRENT FILING DATE: 1998-10-29  
; PRIORITY APPLICATION NUMBER: 60/106,342  
; PRIORITY FILING DATE: 1998-10-30  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 156  
; SOFTWARE: Patentin version 3.0  
; SEQ ID NO: 14  
; LENGTH: 995  
; TYPE: PRT  
; ORGANISM: Unknown  
; FEATURE: OTHER INFORMATION: sequence of retrotransposon from unknown organism  
; NAME/KEY: USURE  
; LOCATION: (1)-(995)  
; OTHER INFORMATION: 'XAA' can be any amino acid  
; US-09-430-590E-14

Query Match 3.0%; Score 117; DB 5; Length 995;  
Best Local Similarity 18.2%; Pred. No. 3, 6; Mismatches 123; Conservative 103; Indels 238; Gaps 37; Matches 123; Mismatches 238; Indels 210; Gaps 37;

Qy 75 YESVIRGHPPYKOFWVHDLRVLNLEGSRQVYCNLKK--AEPLGSISSVKWWKKH 130  
Db 418 YAVHHRNHTPIKEF-----DGATPYERY-YGLSKVYIPFQFGDYL-KCASYQ 465

Qy 131 DGISTRKF---EDYAMSPrING-----DELNOKURAVMYNGPONANGIMEGLEPLNAT 180  
Db 466 EAISKLPSRSRDKAPFTVMSGAFLGGSDSFTFV-LVSKTGYPVTT--SNRPRATM 521  
Db 522 QVLNDLPLAYI-SENSSISY-DTDF-----LSPLNHMPMIRTN---- 555

Qy 241 PDDFOISFSEDEKDQKNGYQNLSSGLGLVPTKRPGD-PPRPNPQDPTSVLIRKYA 299  
Db 556 -----OHDRRGDNINVEYEN-----RPNVPFHYAEPPTNSSTGIIKDRP-- 595

Qy 300 IGDYSKLLEGATLQJGDNNSFQARVFSNSDNGERIELSDGTIVL----- 345  
Db 596 -DIRRADPWPWHDPAHQ-ETTVCOPDHGDDTMNNEHQPLRSCEGNYQPGQYR 652

RESULT 14  
PCT-US01-03782A-96  
; Sequence 96, Application PC/US0103782A  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Ryseq, Inc.  
; APPLICANT: Ford, John E et al  
; TITLE OF INVENTION: Novel Bone Marrow Nucleic Acids and Polypeptides  
; FILE REFERENCE: 21272-040  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: PCT/US01/03782A  
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-05  
; PRIORITY APPLICATION NUMBER: 09/496,914  
; PRIORITY FILING DATE: 2000-02-03  
; PRIORITY APPLICATION NUMBER: 09/598,075  
; PRIORITY FILING DATE: 2000-06-20  
; PRIORITY APPLICATION NUMBER: 09/620,325  
; PRIORITY FILING DATE: 2000-07-19  
; PRIORITY APPLICATION NUMBER: 60/250,583  
; PRIORITY FILING DATE: 2000-11-30  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 386  
; SOFTWARE: Custom  
; SEQ ID NO: 96  
; LENGTH: 5373  
; TYPE: PRT  
; ORGANISM: Homo sapiens  
PCT-US01-03782A-96

Query Match 3.0%; Score 117; DB 1; Length 5373;  
Best Local Similarity 19.9%; Pred. No. 59; Mismatches 145; Conservative 121; Indels 206; Gaps 36; Matches 145; Mismatches 258; Indels 206; Gaps 36;

Qy 84 YYQFRVADLRLVNLLEG--SRSYQYCYCENLKKAFPLGSDSSVKKYKHDGISTFEDYA 141  
Db 2323 YEKLGGLVHEROESLQAIILNRMEEH---KEA-----NSVLQLESKEEV-LKSMADM 2371

Qy 142 MSPRTGDD---ELNOKURAVMYNGPONANGIMEGLEPLNATVTOEAWWYSDNAPI 196  
Db 2372 SSPTKIEITVKQAEQSNKAFLAEI---EONSPKQKVKEARLAGLIVY-----PN 2417

Qy 197 SNPDESFKR-----ESESNL---VTSOL-----SLR 221  
Db 2418 SQAENWKKIQEELNSRWERATEVTVARQRLQESASHLACFQAESOLRPWLMKELM 2477

Qy 222 QALKQL-IDPNLATKMPKQVFDQFQLSIFES-EDKGDKYNGYQNLSSGLGLVPTKRPPTG 279

Query Match 3.0%; Score 117; DB 1; Length 5447;  
 Best Local Similarity 19.9%; Pred. No. 60;  
 Matches 145; Conservative 121; Mismatches 258; Indels 206; Gaps 36;

QY 84 YYKQTRVAHDLRVNLEG-SRSYQYCFNUKKAFFLGSDSSVKWYKKHDGISTKFDYQ 141

Db 2478 GVLGPLSLIDPNMLNAQKQV-QFMLKEFARROQHEOLNEAAQGILNG-----PG 2526

QY 280 DPPMPNPQPOQTSVLRKVAIGDYSKLEGAT-QLTGVNVNSQARQFSSNDIGERELS 339

Db 2527 DVSLSQVKQVKELOQING-----KWELET-----DQATVKSTQYQ 2571

QY 340 DGTYTTLTELNSPAG--YSTAEPITFKVEAGKVYTIDGQKQIENPK----EIVEPVSVE 392

Db 2572 ELQDLSKERVRAVGQRLSQSASTQPEAK----QOLETSSEIRSDLEQDHLHVEKE 2624

QY 393 AYNDFEFESVLTTONYAKIYAKN-----KNGSSQVYCFNADLKSPPDSE-- 438

Db 2625 AQTICDELSVLIGEQYKLDKDELKKRLETVALPQGLEIDLADRINRLQALASTQFQOMP 2684

QY 439 DGGKMTMPFTGKVYKIHAGROLFKVVKPRTDPTFLKIKKVKYEGKQGQALE 498

Db 2685 DELRIVWDDKQSQAKNCPIASK-----LERLQSQQENEERFOKSINO 2727

QY 499 YSGLMTETOQRAATQALIYFTDSAEFLDKD-----LKDHYHGFMDNDSTLAVAKIL 549

Db 2728 HSGSYEVIVTAEGESLIL----SVPPGEEKRTLQNQVELKNH--WEELSKKADRSRL 2780

QY 550 VEYAGDSNPQLTDLUFFIPNNNYQOSLGTQWIPEDLVDIT----RMEDKKEVI-PVT 603

Db 2781 KDCMOKA-----QRY-----QWIVEDLVPWIEOCKKARMSERLYTLDVQ 2819

QY 604 HNLTRKTVTGLADGTRTKDFHEELKNNKQELLSQTVTKTLEFKGKATN----- 658

Db 2820 LESSLRSKAML--NEVERRSLEILNSAADILINSSRADEGCI--RDEKAGINQNMDA 2875

QY 659 -----LKHG--ESLT--LQGLPEGSYLVKETDSEGVYKV--NSOEVANATVKTG 704

Db 2876 VTEELQAKTGSLEEMTQRLREFQESFKNIEKKVKGAKHOLEFDALGSQACSNKLEKL 2935

QY 705 ITSDETLAFE 714

Db 2936 AQQEVLQALE 2945

RESULT 15

PCT-03782A-284

SEQUENCE 284 - Application PCT-US0103782A

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Hyseq, Inc.

APPLICANT: Ford, John E et al

TITLE OF INVENTION: Novel Bone Marrow Nucleic Acids and Polypeptides

FILE REFERENCE: 2127-040

CURRENT APPLICATION NUMBER: PCT-US01/03782A

CURRENT FILING DATE: 2001-02-05

PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/496, 914

PRIOR FILING DATE: 2000-02-03

PRIOR FILING DATE: 2000-06-20

PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/620, 325

PRIOR FILING DATE: 2000-07-19

PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/250, 583

PRIOR FILING DATE: 2000-11-30

NUMBER OF SEQ ID NOS: 386

SOFTWARE: Custom

SEQ ID NO: 284

LENGTH: 5447

TYPE: PRT

ORGANISM: Homo sapiens

PCT-US01-03782A-284

Db 2396 YELKGGVHLERQOSLOATLNRMPBEVH---KEA-----NSVILQWLESKEEV-LKSDAM 2444

QY 142 MSPRITGD----ELNQKLRAVYNGHQNANGTMIGEPLNMAIRVQEAQWVYSDNAPI 196

Db 2445 SSPKTTETVKQAEQESNAKFLAEI----EQNSPKIQKVEALAGLQWV-----PN 2490

QY 197 SNPDESFKR-----ESESNU----VSTSQL-----SILAR 221

Db 2491 SQAENWNKKIQEELNSRWERATEVTVARQROLESESASHLACFOQAESOLQPWILMEKLM 2550

QY 222 QALQQL-IDPNLATKMPKVQPDFQLSFES-BDKGDXNKGYQNLUSGGLVFTKRPPTPG 279

Db 2551 GVLGPLSLIDPNMLNAQKQV-QFMLKEFARROQHEOLNEAAQGILNG-----PG 2599

QY 280 DPPMPNPQPOQTSVLRKVAIGDYSKLEGAT-QLTGVNVNSQARQFSSNDIGERELS 339

Db 2600 DVSLSQVKQVKELOQING-----KWELET-----DQATVKSTQYQ 2644

Db 2551 GVLGPLSLIDPNMLNAQKQV-QFMLKEFARROQHEOLNEAAQGILNG-----PG 2599

QY 340 DGTYTTLTELNSPAG--YSTAEPITFKVEAGKVYTIDGQKQIENPK----EIVEPVSVE 392

Db 2645 ELQDLSKERVRAVGQRLSQSASTQPEAK----QOLETSSEIRSDLEQDHLHVEKE 2697

QY 393 AYNDFEFESVLTTONYAKIYAKN-----KNGSSQVYCFNADLKSPPDSE-- 438

Db 2698 AQTICDELSVLIGEQYKLDKDELKKRLETVALPQGLEIDLADRINRLQALASTQFQOMP 2757

QY 499 YSGLMTETOQRAATQALIYFTDSAEFLDKR-----LKDHYHGFMDNDSTLAVAKIL 549

Db 2758 DELRIVWDDKQSQAKNCPIASK-----LERLQSQQENEERFOKSINO 2800

QY 499 YSGLMTETOQRAATQALIYFTDSAEFLDKR-----LKDHYHGFMDNDSTLAVAKIL 549

Db 2801 HSGSYEVIVTAEGESLIL----SVPPGEEKRTLQNQVELKNH--WEELSKKADRSRL 2853

QY 550 VEYAGDSNPQLTDLUFFIPNNNYQOSLGTQWIPEDLVDIT----RMEDKKEVI-PVT 603

Db 2854 KDCMOKA-----QRY-----QWIVEDLVPWIEOCKKARMSERLYTLDVQ 2892

QY 604 HNLTRKTVTGLADGTRTKDFHEELKNNKQELLSQTVTKTLEFKGKATN----- 658

Db 2893 LESSLRSKAML--NEVERRSLEILNSAADILINSSRADEGCI--RDEKAGINQNMDA 2948

QY 659 -----LKHG--ESLT--LQGLPEGSYLVKETDSEGVYKV--NSOEVANATVKTG 704

Db 2949 VTEELQAKTGSLEEMTQRLREFQESFKNIEKKVKGAKHOLEFDALGSQACSNKLEKL 3008

QY 705 ITSDETLAFE 714

Db 3009 AQQEVLQALE 3018

Search completed: June 7, 2001, 00:22:29  
 Job time: 246 sec